

FIGURE 1

196x.seq	1	60
Mcomm.seq	GT.....TAGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCTTAAACACATGC	
	NAAACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCTTAA.CACATGC	
196x.seq	61	120
Mcomm.seq	AAGTCGAGCGGTAACAGGGG.AGCTTGCTCCT.GCTGACGAGCGCGGCACGGGTGAGTAA	
	AAGTCGAGCGGTAACATTGCTAGCTTGCTAGAAAGATGACGAGCGCGGCAGGGTGAGTAA	
196x.seq	121	180
Mcomm.seq	CGCGTAGGAATCTGCCTAGTAGAGGGGGACAACATGTGGAACGSCATGCTAATACCGCAT	
	CGCGTAGGAATCTGCCTAGTAGTGCGGGGACAACATGTGGAACGSCATGCTAATACCGCAT	
196x.seq	181	240
Mcomm.seq	ACGCCCTGAGGGGGAAAGGAGGGGACTCTTCGGAGCCTTCGCTATTAGATGAGCCTGCG	
	ACGCCCTACGGGGGAAAGGAGGGNN.TCTTCGGA.CCTTCGCTATTAGATGAGCCTGCG	
196x.seq	241	300
Mcomm.seq	TGAGATTAGCTAGTTGGTAGGGTAAAGGCCTACCAAGGCGACGATCTCTAACTGGTCTGA	
	TGAGATTAGCTAGTTGGTAGGGTAAAGGCCTACCAAGGCGACGATCTCTAGCTGGTCTGA	
196x.seq	301	360
Mcomm.seq	GAGGATGACCAGTCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGT	
	GAGGATGATCAGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGT	
196x.seq	361	420
Mcomm.seq	GGGGAATATTGGACAATGGGCGCAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGC	
	GGGGAATATTGGACAATGGGCGCAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGC	
196x.seq	421	480
Mcomm.seq	CTTAGGGTTGTAAAGCACTTTCAGGGGTGAGGAAGGGTGATAGGTTAATACGTTATCATC	
	CTTAGGGTTGTAAAGCACTTTCAGGAGTGAGGAAGGGCGTATAGTTAATACCTGTATGTT	
196x.seq	481	540
Mcomm.seq	TTGACGTAGCCCCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCTGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACAG	
	TTGACGTAACTCCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCTGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACAG	
196x.seq	541	600
Mcomm.seq	AGGGTGCAAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCTAGGTGGTTTGTAAAGT	
	AGGGTGCGAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCTAGGCGGTTTGTAAAGT	
196x.seq	601	660
Mcomm.seq	CGGATGTGAAATCCCAGGGCTCAACCTTGGAAATGGCACCCGATACTGGCTAGCTAGAGTA	
	CGGATGTGAAATCCCAGGGCTCAACCTTGGAAATGGCACCCGATACTGGCAGGCTAGAGTA	
196x.seq	661	720
Mcomm.seq	TGGTAGAGGGGTGTGGAATTCCTGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATAGGAAGGAACA	
	CGGTAGAGGGGTGTGGAATTCCTGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATAGGAAGGAACA	
196x.seq	721	780
Mcomm.seq	TCAGTGGCGAAGGCGACACCTGGACTAATACTGACACTGAGGTGCGAAAGCGTGGGGAG	
	TCAGTGGCGAAGGCGACACCTGGACCGATACTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGGAG	
196x.seq	781	840
Mcomm.seq	CAAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGTCTACTAGCCGTTGGGT	
	CAAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGTCTACTAGCCGTTGGGT	
196x.seq	841	900
Mcomm.seq	.TGTAATGACTTAGTGCGCAGCTAACGCAATAAGTAGACCGCTGGGGAGTACGGCCGC	
	ATNTATTTCTTTAGTGCGCAGCTAACGCGATAAGTAGACCGCTGGGGAGTACGGCCGC	
196x.seq	901	960
Mcomm.seq	AAGGTTAAAACTCAAATGAATTGACGGGGGGCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAA	
	AAGGTTAAAACTCAAATGAATTGACGGGGGGCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAA	
196x.seq	961	1020
Mcomm.seq	TTGGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCCACAGAACATTTAGAGATCA	
	TTGGAANNAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCCAGAGAACTTTCAGAGATGA	

```

1021                                     1080
196x.seq GATGGTGCCTTCGGGAACCTGTGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGTG
Mcomm.seq ATTGGTGCCTTCGGGAACCTCTGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGTG

1081                                     1140
196x.seq AAATGTTGGGTAAAGTCCCGTAACGAGCGCAACCCCTTGTCTTATTTGCCAGCACGTAAT
Mcomm.seq AAATGTTGGGTAAAGTCCCGTAACGAGCGCAACCCCTTATCCTTATTTGCCAGCACTTCG.

1141                                     1200
196x.seq GGTGGGAACCTTTAAGGAGACTGCCGGTGACAAACCGAGGAAGGTGGGGACGACGTCGAAG
Mcomm.seq GGTGGNAACTCTAAGGAGACTGCCGGTGACAAACCGAGGAAGGTNGGNNGACGTCGAAG

1201                                     1260
196x.seq TCATCATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCGTATACAGAGGGCTG
Mcomm.seq TCATCATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCGTATACAGAGGGCAG

1261                                     1320
196x.seq CAAGCTAGCGATAGTGAGCGAATCCCAAAAGTACGTCGTAGTCCGGATTGGAGTCTGCA
Mcomm.seq CGAACTCGCGAGGGTAAGCAAAATCCCAAAAAGTACGTCGTAGTCCGGATTGGAGTCTGCA

1321                                     1380
196x.seq ACTCGACTCCATGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGAATCAGAATGTCACGGTGAATAC
Mcomm.seq ACTCGACTCCATGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGAATCAGAATGTCACGGTGAATAC

1381                                     1440
196x.seq GTTCCCGGGCCTTGTAACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTTGATTGCTCCAGAAGTAG
Mcomm.seq GTTCCCGGGCCTTGTAACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTTGATTGCTCCAGAAGTAG

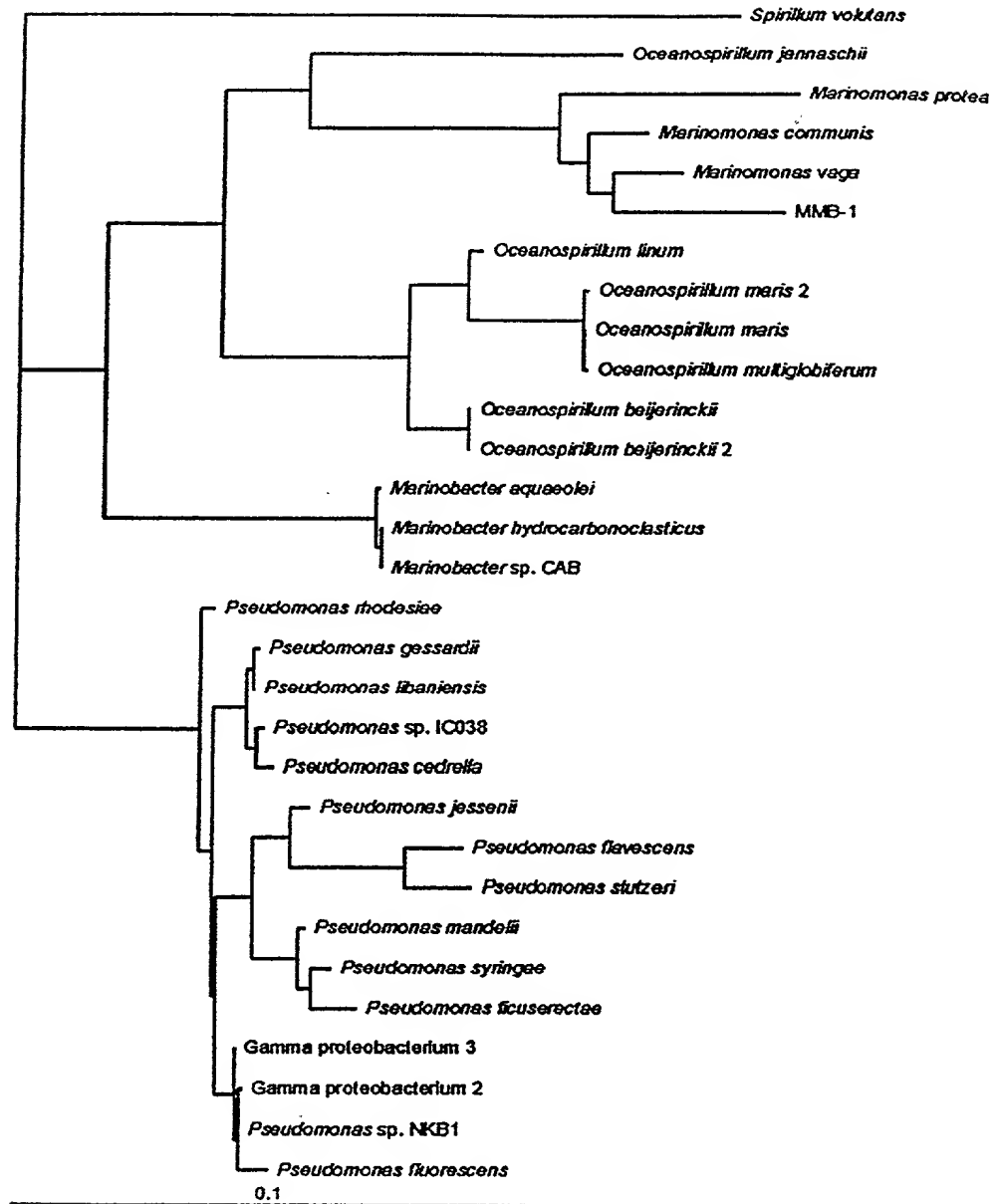
1441                                     1500
196x.seq CTAGCTTAACCCCTTCGGGGATGGCGGTTACCACGGAGTGGTCAATGACTGGGGTTGAAGT
Mcomm.seq CTAGCTTAACCTNC..GGGATGGCGGTTACCACGGAGTGGTCAATGA.....

1501
196x.seq CTACGCG
Mcomm.seq .....

```

Figure 1 (cont)

FIGURE 2



1 GCCCTTGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCT.AACACATGCAAGTCG 49
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
1 ..gttagctcagattgaacgctggcggcaggcttaaacacatgcaagtgcg 48

50 AGCGGT.AGAGAGAAGCTTGCTTCTCTTGA.GAGCGGCGGACGGGTGAGT 97
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
49 agcggtaacaggggagcttgctcctgctgacgagcggcgacgggtgagt 98

98 AATGCCTAGGAATCTGCCTGGTAGTGGGGGATAACGTTTCGAAACGGACG 147
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
99 aacgcgtaggaatctgcctagtagagggggacaacatgtgaaacgcatg 148

148 CTAATACCGCATACGTCCTACGGGAGAAAGCAGGGGA..CCTTCGGGCCT 195
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
149 ctaataccgcatacgccttaggggggaaaggaggggactcttcggagcct 198

196 TGC GCTATCAGATGAGCCTAGGTCGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGG 245
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
199 tccgctattagatgagcctgcgtgagattagctagttggtagggtaaagg 248

246 CTCACCAAGGCGACGATCCGTA ACTGGTCTGAGAGGATGATCAGTCACAC 295
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
249 cctaccaaggcgacgatctctaactggtctgagaggatgaccagtcacac 298

296 TGGA ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA 345
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
299 tgggactgagacacggcccagactcctacgggaggcagcagtggggaata 348

346 TTGGACAATGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAG 395
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
349 ttggacaatgggcgcaagcctgatccagccatgccgcggtgtgtgaagaag 398

396 GTCTTCGGATTGTAAAGCACTTTAAGTTGGGAGGAAGGGTTGTAGATTAA 445
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
399 gccttaggggttghtaaagcactttcaggggtgaggaagggtgataggttaa 448

446 TACTCTGCAATTTTGACGTTACCGACAGAATAAGCACCGGCTAACTCTGT 495
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
449 tacgttatcatcttgacgttagccccagaagaagcacccggctaactctgt 498

496 GCCAGCAGCCGCGGTAATACAGAGGGTGCAAGCGTTAATCGGAATTACTG 545
|||||
499 gccagcagccgcggttaatacagaggggtgcaagcgттаатсггааттаctg 548

546 GGCGTAAAGCGCGCGTAGGTGGTTTGTТАAGTTGGATGTGAAATCCCCGG 595
|||||
549 ggcgtaaagcgcgcgtaggtggtttgттаagtcggatgtgaaatcccagg 598

596 GCTCAACCTGGGAACTGCATTCAAACTGACTGACTAGAGTATGGTAGAG 645
|||||
599 gctcaaccttggaatggcaccgcgatactggctagctagagtatggtagag 648

646 GGTGGTGAATTTCTGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATAGGAAGGAA 695
||
649 ggggtgtggaatttcctgtgtagcggtgaaatgcgtagatataggaaggaa 698

696 CACCAGTGGCGAAGGCGACCACCTGGACTAATACTGACACTGAGGTGCGA 745
||
699 catcagtggcgaaggcgacaccctggactaatactgacactgaggtgcga 748

746 AAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAA 795
|||||
749 aagcgtggggagcaaacaggattagataccctggtagtccacgccgtaaa 798

```

796 CGATGTCAACTAGCCGTTGGAAGCCTTGAGCTTTTAGTGGCGCAGCTAAC 845
    ||||| ||||| ||||| ||||| | | ||||| ||||| |||||
799 cgatgtctactagccgttg..gttgtaatgacttagtgggcgagctaac 846

846 GCATTAAGTTGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAAAACTCAAAT 895
    ||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
847 gcaataagtagaccgcctggggagtacggccgcaagggttaaaactcaaat 896

896 GAATTGACGGGGGCCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAG 945
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
897 gaattgacgggggcccgcacaagcgggtggagcatgtggtttaattcgaag 946

946 CAACGCGAAGAACCTTACCAGGCCTTGACATCCAATGAACTTTCTAGAGA 995
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
947 caacgCGAagaaccttacctactcttgacatccacagaacatttgagaga 996

996 TAGATTGGTGCCTTCGGAACATTGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTCGTC 1045
    | ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
997 tcagatggtgccttcgggaactgtgagacaggtgctgcatggctgtcgtc 1046

1046 AGCTCGTGTTGTGAAATGTAAGGGC..... 1070
    ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
1047 agctcgtgttggtgaaatgttggttaagtcccgtaacgagcgcaaccctt 1096

```

FIGURE 4

```

      10      20      30      40      50
Isolate 20  GCCCTTGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGC
              : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
P. synx AGAGTTTGATCTTGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGC
      10      20      30      40      50      60
      60      70      80      90     100     110
GGTAGAGAGAAGCTTGCTTCTCTTGAGAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGCCTAGGAATCT
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
GGTAGAGAGAAGCTTGCTTCTCTTGAGAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGCCTAGGAATCT
      70      80      90     100     110     120
      120     130     140     150     160     170
GCCTGGTAGTGGGGGATAACGTTTCGGAAACGGACGCTAATACCGCATACGTCCTACGGGA
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
GCCTGGTAGTGGGGGATAACGTTTCGGAAACGGACGCTAATACCGCATACGTCCTACGGGA
      130     140     150     160     170     180
      180     190     200     210     220     230
GAAAGCAGGGGACCTTCGGGCCTTGCGCTATCAGATGAGCCTAGGTCGGATTAGCTAGTT
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
GAAAGCAGGGGACCTTCGGGCCTTGCGCTATCAGATGAGCCTAGGTCGGATTAGCTAGTT
      190     200     210     220     230     240
      240     250     260     270     280     290
GGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCGACGATCCGTAACGGTCTGAGAGGATGATCAGTCA
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
GGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCGACGATCCGTAACGGTCTGAGAGGATGATCAGTCA
      250     260     270     280     290     300
      300     310     320     330     340     350
CACTGGAACCTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACA
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CACTGGAACCTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACA
      310     320     330     340     350     360
      360     370     380     390     400     410
ATGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGTCTTCGGATTGTAAAG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
ATGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGTCTTCGGATTGTAAAG
      370     380     390     400     410     420
      420     430     440     450     460     470
CACTTTAAGTTGGGAGGAAGGGTTGTAGATTAACTCTGCAATTTTGACGTTACCGACA
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CACTTTAAGTTGGGAGGAAGGGTTGTAGATTAACTCTGCAATTTTGACGTTACCGACA
      430     440     450     460     470     480

```

[illegible]

[illegible][illegible]

10/13

FIGURE 5

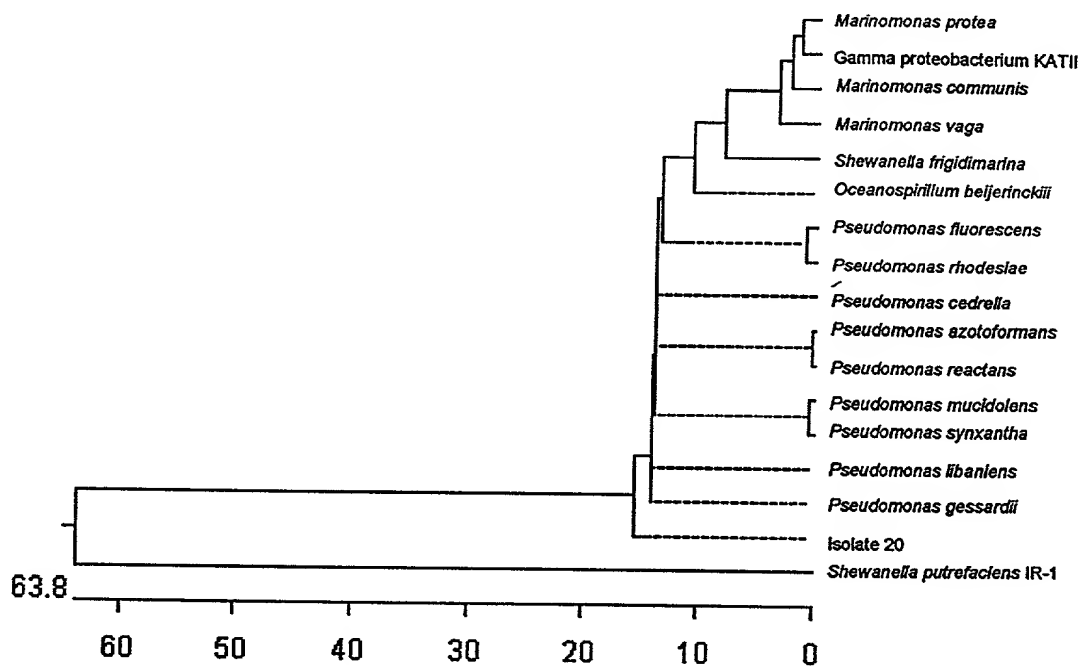


Figure 6A

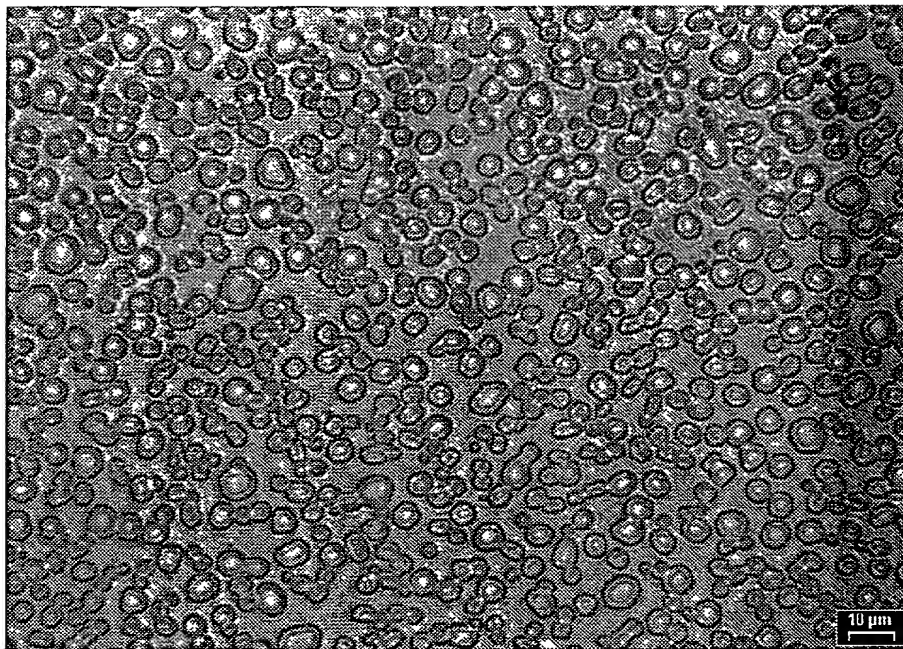


Figure 6B

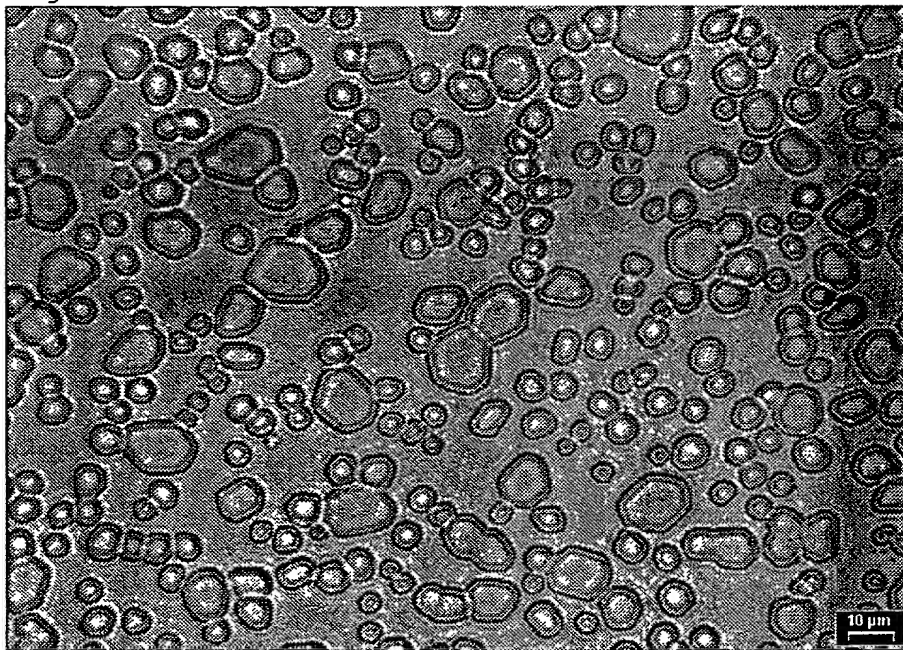


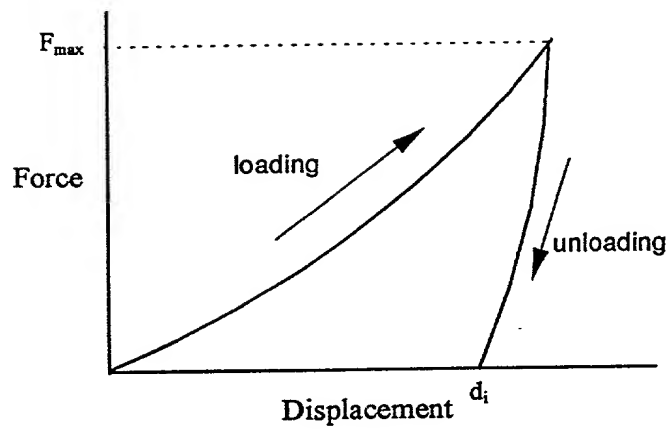
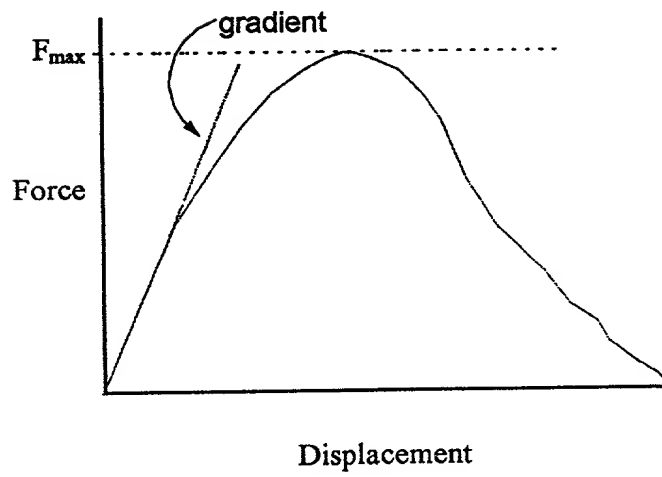
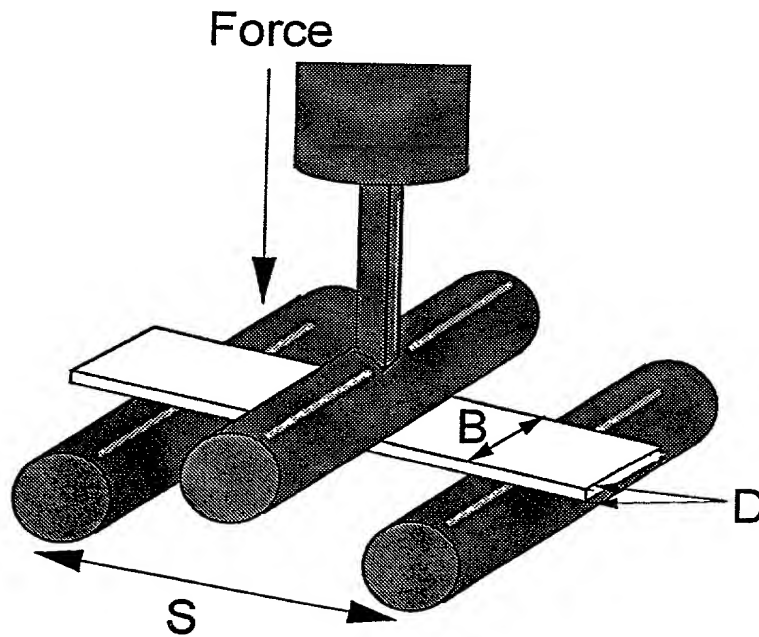
Figure 7Figure 8

Figure 9: The 3-point bend test



Span (S)	30 mm
Depth (D)	~2 mm
Width (B)	10 mm